Wissenschaftliche und journalistische Quellen zur Covid19-Labortheorie (Januar 2025)

- das Fledermauscoronavirus RaTG13 stammt aus einer Höhle in Yunnan, dort tätige Reinigungsarbeiter hatten bereits schwere Covid-ähnlichen Erkrankungen. https://www.researchgate.net/publication/344071439 Dass wahrscheinlich ein Sars-ähnliches Fledermauscoronavirus die Ursache war, wird vom auswertenden Wuhan Institute of Virology (WIV) nicht erwähnt, das auch keine Proben zur Verfügung stellt: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8313728/#fn0001, https://www.frontiersin.org/journals/public-health/articles/10.3389/fpubh.2020.581569/full

- RaTG13 ist in seinen übrigen Bestandteilen zu 95,5%-100% mit SarsCoV2-Proben aus Dezember 2019 identisch, unterscheidet sich in Längen von maximal drei Nukleotiden, das Spikeprotein jedoch lediglich zu 93% und unterscheidet sich in Längen von mehr als drei Nukleotiden: https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7/tables/3, https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39176223/

- RaTG13 wurde nur einmalig aus Fledermausexkrementen in der Höhle in Yunnan isoliert https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9744119/, 1800 km von Wuhan entfernt, und zwar vom WIV https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7090819/, seitdem konnte in China in 17.000 Proben allein ab 2020 kein anderer möglicher Vorgänger gefunden werden: https://www.researchsquare.com/article/rs-885194/v1.pdf (erste unzensierte Version laut https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35981032/)

- das Virus konnte trotz Suche in 80.000 Proben von Wildtieren in China nie nachgewiesen werden https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(21)02019-5/fulltext, https://www.who.int/publications/i/item/who-convened-global-study-of-origins-of-sars-cov-2-china-part S. 92-111

- wenn SarsCov2 auf natürlichem Wege entstanden wäre, müsste es aber seit Jahrzehnten unentdeckt in freier Wildbahn zirkulieren https://www.nature.com/articles/s41564-020-0771-4, für eine Rekombination gibt es keinerlei Hinweis https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7, insbesondere die spezifische Furin-Spaltstelle mit ACE2-Bindung am Spike Protein kam bei Sars-ähnlichen Coronaviren in der Natur nie vor: WHO, Final Report, wie oben, S. 83, https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0166354220300528, https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/bies.202100015

- Wurde SarsCoV2 2019 am WIV gentechnisch hergestellt? Jedenfalls stellt der erste Finanzierungsantrag des DEFUSE-Projekts von März 2018 mit westlichen Kollaborateuren einen Bauplan für SarsCoV2 dar: https://drasticresearch.org/2021/09/21/the-defuse-project-documents/ (Antragsdokumente mit Auswertung: vom Pentagon als zu riskant abgelehnt/Überarbeitung möglich) https://usrtk.org/covid-19-origins/scientists-proposed-making-viruses-with-unique-features-of-sars-cov-2-in-wuhan/,

https://changingtimes.media/2024/01/19/scientists-say-ecohealth-alliances-defuse-proposal-was-a-blueprint-for-sars-cov-2/. Den Antragstellern war das Risiko einer durch die Forschung verursachten Pandemie bewusst: https://www.vanityfair.com/news/2022/10/covid-origins-investigation-wuhan-lab. Ein Cluster von SarsCoV-Viren, darunter RaTG13 (= Probenummer 4991), DEFUSE-Antrag, wie oben, S. 7 Anm. 34 https://journals.plos.org/plospathogens/article?id=10.1371/journal.ppat.1006698 mit https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26920708/ sollte daraufhin optimiert werden, menschliches Lungengewebe anzugreifen: https://www.nature.com/articles/nm.3985. Den Hauptketten der Viren aus Fledermausexkrementen aus der Höhle in Yunnan sollten neue Spikeproteine mit Furin-Spaltstelle eingesetzt und die so hergestellten Virenchimären auf ihre Infektiösität von menschlichen ACE-2-Rezeptoren in vivo optimiert werden: DEFUSE-Antrag, wie oben, S. 1-4, https://www.city-journal.org/article/new-documents-bolster-lab-leak-hypothesis. Von Ende 2018 bis zum Ausbruch der Pandemie wurde am WIV vorrätigen lebenden SarsCoV-Viren von Fledermäusen Spikeproteine mit Furin-Spaltstelle gentechnisch eingesetzt, welche an menschliche ACE2-Rezeptoren andocken sollten, und in Labormäusen angezüchtet: https://www.science.org/doi/10.1126/science.369.6503.487 responses, S. 6; https://www.thetimes.com/uk/article/inside-wuhan-lab-covid-pandemic-china-america-qhjwwwvm0, https://www.dni.gov/index.php/newsroom/reports-publications/reports-publications-2023/3704-odni-releases-report-on-the-potential-links-between-the-wuhan-institute-of-virology-and-the-origin-of-covid-19 - S. 4; möglicherweise als „Biowaffe“, die gezielt ausgesetzt wurde: https://www.ndtv.com/world-news/china-deliberately-engineered-coronavirus-as-bioweapon-wuhan-researcher-4159339). Diese Forschung hat bisher zu keinen anderen Publikationen als denen zu Covid19 geführt.

- es ist relativ einfach, aus RaTG13 durch eine gezielte gentechnische Veränderung einen Ursprungstyp von SarsCoV2 herzustellen https://www.uni-ulm.de/home/uni-aktuell/article/wie-wird-ein-fledermaus-coronavirus-zum-pandemie-ausloeserder-austausch-einer-aminosaeure-laesst-ratg13-mit-menschlichen-zellen-interagieren/, die Furin-Spaltstelle von SarsCoV2 ist zu 100% identisch mit einer dokumentierten gentechnisch veränderten Spaltstelle, die sich nahtlos in menschliche Rezeptoren einfügt https://www.frontiersin.org/journals/virology/articles/10.3389/fviro.2022.834808/full und von Moderna publiziert wurde, die Wahrscheinlichkeit einer natürlichen Entstehung ist somit äußerst gering: https://www.biospace.com/tiny-covid-19-gene-sequence-raises-question-but-is-it-only-a-quirky-observation

- seit 2017 wurden das WIV und die Forschung dort vom chinesischen Militär finanziert https://2017-2021.state.gov/fact-sheet-activity-at-the-wuhan-institute-of-virology/

- dabei wurde von den Forschern und Laborarbeitern wenige bis keine Masken getragen https://www.science.org/doi/10.1126/science.369.6503.487 responses, S. 9, https://usrtk.org/covid-19-origins/american-scientists-misled-pentagon-on-wuhan-research/

- in der Nacht zum 12. September 2019 wurde die bedeutende Virendatenbank des WIV vom Netz genommen https://www.europarl.europa.eu/doceo/document/E-9-2022-000608_EN.html

- ab September 2019 sind Mitarbeiter des WIV erkrankt, teils mit Covid-Symptomen https://www.public.news/p/first-people-sickened-by-covid-19, https://2017-2021.state.gov/fact-sheet-activity-at-the-wuhan-institute-of-virology/, https://www.tagesspiegel.de/politik/so-dreist-vertuscht-china-die-ursprunge-von-corona-5363437.html, einige haben im November Krankenhäuser aufgesucht https://www.wsj.com/articles/intelligence-on-sick-staff-at-wuhan-lab-fuels-debate-on-covid-19-origin-11621796228. Ab Oktober kamen signifikant mehr Tagesbesucher zu Krankenhäusern in der Nähe des WIV: http://nrs.harvard.edu/urn-3:HUL.InstRepos:42669767 S. 4

- Aufgrund eines vorausgegangenen Laborvorfalls, bei dem ein Krankheitserreger freigesetzt wurde, kam es im WIV im November zu Eingriffen von ganz oben (Staatspräsident / Kommunistische Partei), um die laxen Sicherheitsstandards im Umgang mit Coronaviren deutlich zu verschärfen, es wurden spezielle Luftfilter beschafft, die Viren in Aerosolen abtöten sollen https://www.vanityfair.com/news/2022/10/covid-origins-investigation-wuhan-lab, https://www.propublica.org/article/senate-report-covid-19-origin-wuhan-lab, https://www.science.org/doi/10.1126/science.369.6503.487 responses S. 9, https://www.bbc.com/news/world-asia-65708746

- ca. eine Woche vor Symptombeginn des ersten "offiziell gemeldeten" Covidfalls wurde die Seuchenbehörde des WIV in die Nähe des Huanan Fischmarkt verlegt: WHO Final Report, wie oben, S. 41-44 und 119, wo demnach auch das erste Cluster Mitte Dezember ausgebrochen sein soll.

- Zwar haben Forschungen zur Markttheorie ergeben, dass Irgendwann Marder illegal auf dem Fischmarkt waren, die grundsätzlich für eine Übertragung auf den Menschen in Frage kommen. Die Wildtier-DNA wurde dabei in der Nähe bekannter Infektionsfälle gesucht. Virenspuren fanden sich aber nur in Proben, für die menschliche Ausscheidung plausibel ist, die Marder waren anscheinend lokaler Herkunft und es wurden nur Virenmaterial gefunden, das bereits mehrere Mutationen seit dem Ursprungstyp hinter sich hatte: https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674(24)00901-2 . Außerdem haben die Genomsequenzen keinen Hinweis auf Zwischenwirte wie Marderhunde, sondern nur auf (Labor)mäuse: https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2021.100282

- die SarsCoV2-Proben vom Fischmarkt waren bereits weiter von dem Ursprungstyp (RaTG13 und Alternativen) entfernt, als solche von anderswo, die von China teils aus Datenbanken gelöscht wurden, d.h. die Pandemie müsste ein paar Monate vor Dezember begonnen haben: https://doi.org/10.1093/molbev/msab246

- Die Ursprungslinien A und B scheinen nicht durch verschiedene zoonotische Ereignisse am Fischmarkt entstanden zu sein, denn Studien, die so argumentieren, berücksichtigen nicht die Sequenzen mit fließenden Übergängen https://www.mdpi.com/2036-7481/14/1/33

- China hat durch Unterschlagung der Fälle vor dem Ausbruch am Fischmarkt Mitte Dezember https://web.archive.org/web/20200315011702/https://www.scmp.com/news/china/societ

y/article/3074991/coronavirus-chinas-first-confirmed-covid-19-case-traced-back, https://news.sky.com/story/fighting-coronavirus-one-of-the-first-british-sufferers-describes-his-ordeal-11950631, durch Maulkorbverordnung, Anordnung der Überwachung aller Veröffentlichungen „wie Züge in einem Schachspiel“ und rückwirkende Falldefinitionen im Dezember 2019 mit Testung nur bei Bezug zum Fischmarkt eine Vorauswahl bei den an die WHO gemeldeten Fällen getroffen: https://doi.org/10.1093/molbev/msab246, https://www.straitstimes.com/asia/east-asia/reporters-notebook-life-and-death-in-a-wuhan-coronavirus-icu, https://daliyang.org/wp-content/uploads/2020/10/how-and-why-did-local-officials-hide-the-truth-in-wuhan_-the-washington-post.pdf, https://www.nationalheraldindia.com/international/data-leaked-tencent-lists-25000-deaths-154-lakh-infections-from-coronavirus, es gab auch zahlreiche Verdachtsfälle bei den Military Games von Ende Oktober https://prospect.org/coronavirus/did-the-military-world-games-spread-covid-19/ sowie durch Antikörpertests bestätigte: https://www.20minutos.es/noticia/4297980/0/militares-juegos-wuhan-positivo-anticuerpos-coronavirus/

- der von China ausgewählte und im WHO-Bericht veröffentliche Datensatz beruht auf den Proben, die in der JinYinTan Infektionsklinik ab Ende Dezember entnommen wurden: https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7, ausgewählte Patienten wurden dorthin verlegt: https://www.science.org/doi/10.1126/science.abm4454, andere bzw. frühere Proben nicht angegeben: https://zenodo.org/records/4119263, diese werden also von wissenschaftlichen Veröffentlichungen nicht berücksichtigt oder können nicht berücksichtigt werden.

- China hat gerade in den ersten Wochen der Pandemie bestätigte Fallzahlen herabgespielt https://edition.cnn.com/2020/11/30/asia/wuhan-china-covid-intl/index.html, US-amerikanische Geheimdienste sollen dagegen schon im November Informationen zu dem Pandemieausbruch gehabt haben https://abcnews.go.com/Politics/intelligence-report-warned-coronavirus-crisis-early-november-sources/story?id=70031273, China hat aber erst spät die WHO darüber informiert, insbesondere dass Covid sich von Mensch zu Mensch überträgt: https://time.com/5826025/taiwan-who-trump-coronavirus-covid19/

- Trotzdem hatte unter den gemeldeten Fällen mehr als die Hälfte keinen direkten oder indirekten Kontakt zum Fischmarkt: WHO, Final Report, wie oben, S. 44.

- danach hat China eine unabhängige Ursachensuche der Pandemie verhindert, der WHO Zugang zu Proben, insbesondere von vor Dezember 2019 (https://chinadigitaltimes.net/2021/02/who-investigators-detail-political-environment-during-china-field-research/), nicht gewährt, Studien zu Fledermausviren staatlicher Zensur unterworfen, einen Maulkorb zu frühen Covidfällen verhängt und wissenschaftliche Studien in Auftrag gegeben, welche den Verdacht von China ablenken sollten https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35981032/, https://apnews.com/article/united-nations-coronavirus-pandemic-china-only-on-ap-bats-24fbadc58cee3a40bca2ddf7a14d2955, https://english.kyodonews.net/news/2020/11/9833532bb925-chinas-authorities-issue-gag-order-about-virus-to-doctors-in-wuhan.html

- China und sein Verbündeter Russland hatten früher Therapien (https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7054408/) und vor allem Impfstoffe gegen Covid als der Westen, möglicherweise weil die Sequenzen früher geteilt wurden, die Impfstoffentwickler starben unter ungeklärten Umständen https://www.vanityfair.com/news/2022/10/covid-origins-investigation-wuhan-lab bzw. wurden ermordet https://www.spiegel.de/wissenschaft/medizin/sputnik-v-russischer-impfstoff-entwickler-in-moskau-ermordet-a-79e5483f-d7df-42af-a6ae-34cc77980634, ein Unternehmen mit Zweitsitz in China konnte bereits im November 2019 mit der Entwicklung von Antikörpertests beginnen: https://www.yourcentralvalley.com/news/california/sacramento-area-company-develops-antibody-test-to-detect-covid-19-in-minutes/

- China hat im Gegenzug und vor allem intern gegenüber seinem Volk es ohne jeden Hinweis so dargestellt, dass die USA Covid als Biowaffe entwickelt haben: https://www.bbc.com/news/world-us-canada-58273322. Russland hat den Angriffskrieg gegen die Ukraine u.a. damit begründet, dass die CIA in der Ukraine SarsCoV2 hergestellt habe: https://www.tagesschau.de/faktenfinder/biolabore-ukraine-usa-101.html

- Die WHO hat für die derzeitige Omikron-Variante den griechischen Buchstaben Xi übergangen, wohl um eine Anspielung auf Xi Jinping zu vermeiden https://www.washingtontimes.com/news/2021/nov/27/who-accused-politics-naming-latest-variant-omicron/